Омский государственный медицинский университет

Микробиом кишечника: что важно учитывать при проведении диагностических тестов

М.А. Ливзан, д.м.н., проф., член-корреспондент РАН, О.В. Гаус, д.м.н., проф.

Адрес для переписки: Ольга Владимировна Гаус, gaus_olga@bk.ru

Для цитирования: Ливзан М.А., Гаус О.В. Микробиом кишечника: что важно учитывать при проведении диагностических тестов. Эффективная фармакотерапия. 2026; 22 (28): 84–92.

DOI 10.33978/2307-3586-2026-22-28-84-92

В условиях стремительного накопления данных о модуляции кишечной микробиоты при различных заболеваниях, включая патологии пищеварительной, сердечно-сосудистой, нервной, иммунной и эндокринной систем, растет интерес к использованию микробиома в качестве потенциального диагностического инструмента. Однако доказательств, подтверждающих клиническую полезность рутинной оценки кишечной микробиоты, в настоящее время недостаточно. Все больше коммерческих поставщиков предлагают различные диагностические тесты по исследованию микробиома напрямую потребителям без предъявления требований к их стандартизации или доказанной ценности в клинической практике, что, безусловно, может привести не только к значительной трате финансовых ресурсов, но и к выбору нерациональной тактики ведения пациентов. С этой точки зрения актуальной и важной стала публикация согласительного документа международной междисциплинарной экспертной группы по стандартизации передовых методов тестирования микробиома для клинического применения. В данной статье представлены ключевые положения консенсуса, включая рекомендации по общим принципам и минимальным требованиям к проведению различных методов диагностики микробиома, показаниям, протоколам предварительного тестирования, методам анализа, представлению результатов и их потенциальной клинической ценности. Кроме того, на примере синдрома раздраженного кишечника показана роль модуляции кишечной микробиоты в развитии и персистенции симптомов заболевания, а также на основе данных литературы представлена критическая оценка наиболее эффективных методов пробиотической терапии, в том числе эффективности и безопасности применения штамма Bifidobacterium longum 35624® в курации пациентов.

Ключевые слова: *микробиом кишечника, метаболом, культуральный метод, ампликонное секвенирование, полногеномное секвенирование, хроматографические методы, синдром раздраженного кишечника, пробиотики, Bifidobacterium longum 35624®*

Микробиом кишечника рассматривается сегодня в качестве потенциальной мишени как в профилактической медицине, так и для таргетной терапии при курации пациентов не только с заболеваниями органов пищеварения, но и с негастроинтестинальной патологией – сердечно-сосудистой, нервной, иммунной, эндокринной систем и др. Объем научных знаний по особенностям модуляции микробиома в зависимости от пола, возраста, питания, уровня физической активности и факторов окружающей среды, а также при формировании и прогрессировании различных заболеваний увеличивается лавинообразно. С позиции реальной клинической практики критически важным становится понимание необходимости и, при ее наличии, применение наиболее надежных, информативных методов диагностики нарушений микробиома, а также подходов к коррекции микробного пейзажа.

При анализе имеющихся диагностических ресурсов следует выделить наиболее распространенные методы

исследования микробиоты, такие как культуральный с применением различных питательных сред, хроматографические, позволяющие провести оценку конечных продуктов биохимических реакций в бактериальной клетке (метаболом), и современные молекулярно-генетические [1, 2]. Последние позволяют идентифицировать любые микроорганизмы (бактерии, вирусы, грибы, простейшие) посредством определения уникальной последовательности оснований ДНК или РНК. К ним относятся полимеразная цепная реакция (ПЦР), методы секвенирования нового поколения – ампликонное (таргетное 16s и 18s рРНК секвенирование, секвенирование внутреннего транскрибируемого спейсера) и полногеномное (метагеномное или секвенирование методом дробовика (shotgun-секвенирование), метатранскриптомное секвенирование).

Безусловно, для оценки информативности и надежности тестов необходимо ориентироваться на доказательные данные. В этой связи особый интерес представляют результаты международного консенсуса по стандартизации передовых методов тестирования микробиома для клинического применения, включая рекомендации по общим принципам и требованиям к их проведению, показаниям, методам анализа и потенциальной клинической ценности [3]. Цель консенсуса состояла в том, чтобы создать основу для регулирования тестирования микробиома и минимизировать использование неподходящих тестов, а также дать рекомендации для разработки и использования диагностических методов на основе доказательств в отношении микробиома человека в клинической медицине.

В разработке консенсуса приняли участие 69 экспертов из 18 стран, которые рассмотрели и приняли заключение по пяти направлениям: общие принципы и минимальные требования к проведению тестирования микробиома; этапы процедуры перед проведением тестирования; анализ микробиома; характеристики отчетов; актуальность тестирования микробиома в текущей и будущей клинической практике. Заявления и пояснительные комментарии каждой рабочей группы были отредактированы соответствующими координаторами, а затем загружены вместе с подтверждающими ссылками в онлайн-систему электронного голосования. Всей экспертной группе было предложено оценить заявления, опубликованные рабочими группами. Для достижения консенсуса использовали метод Дельфи. Авторы консенсуса подчеркивают необходимость взвешенного подхода к оценке диагностической ценности применения методов исследования микробиома в рутинной практике. Все положения вместе с долей согласия приведены в таблице. Далее сделан акцент на ключевых положениях консенсуса, а также на основе данных литературы дана критическая оценка наиболее эффективных методов пробиотической терапии на примере характерных стигм модуляции микробиоты при синдроме раздраженного кишечника (СРК).

Эксперты первой рабочей группы акцентировали внимание на том, что проведение микробиомного теста представляет собой сложный процесс – от сбора биологических образцов до секвенирования генома микроорганизмов и вычислительного анализа и до выдачи интерпретируемого заключения. В команду, выполняющую микробиомное тестирование, должны входить эксперты из различных областей (например, секвенирования нового поколения, вычислительной биологии, микробной экологии и клинической микробиологии). Врачи также могут привлекаться в качестве консультантов для интерпретации микробиомного теста. Любое изменение тактики ведения пациента на основании микробиомного теста должно осуществляться только направившими его врачами или иными медицинскими работниками (положение 3). Клинические решения – результат сложного процесса, оценивающего все аспекты анамнеза пациента, а не единичного теста. Поэтому только направивший врач или медицинский работник, назначивший тест, должен курировать любое изменение тактики ведения пациента на основании его результатов. Рабочая группа также согласилась с тем, что лаборатории, выполняющие микробиомное тестирование, должны гарантировать высокие стандарты качества, а также защиту персональных данных пациента, быть аккредитованными и находиться под регуляторным контролем (положение 4).

Эксперты второй рабочей группы подчеркивают необходимость назначения таких тестов только врачами. Рабочая группа согласилась, что до тестирования следует собрать ключевые клинические данные пациента, включая те, которые могут влиять на характеристики кишечного микробиома: возраст, пол, индекс массы тела, особенности питания, статус курения и употребления алкоголя, время кишечного транзита, сопутствующие заболевания и принимаемые препараты (положение 7). Экспертная группа рекомендовала пациентам не прекращать терапию и не менять привычный рацион перед тестированием, если это не предписано направившим врачом (положение 8). Тремя положениями были рассмотрены сбор, транспортировка и хранение образцов. Во-первых, сбор образцов кала должен исключать любое загрязнение из окружающей среды и обеспечивать сохранность генетического материала (положение 9). Во-вторых, собранные образцы следует доставлять в лаборатории, отвечающие требованиям к секвенированию микробиома, в рекомендованные сроки и при условиях, описанных в инструкциях к наборам для сбора; после поступления образцы должны храниться при температуре -80 °C до дальнейшей обработки (положение 10).

Члены рабочей группы 3, сосредоточенной на рекомендациях по анализу микробиома, согласились, что к надлежащим методам профилирования микробного сообщества кишечника относятся ампликонное и полногеномное секвенирование (положение 12) и что мультиплексная ПЦР и бактериологические посевы, хотя и могут быть полезны, не могут считаться микробиомным тестированием и использоваться как замена профилирования микробиома (положение 13). В настоящее время как ампликонное, так и полногеномное секвенирование являются надежными вариантами для профилирования микробиомов на уровне сообщества, хотя и имеют свои преимущества и недостатки.

Сводка положений консенсуса

№	Согласие	Формулировка
Рабочая группа 1: общие принципы и минимальные требования к проведению микробиомного тестирования		
1	100%	Поставщики услуг микробиомного тестирования должны предоставлять обоснованное, достоверное, прозрачное и научно корректное описание теста, четко информируя клиентов об ограниченности доказательной базы для его применения в клинической практике
2	96%	Проведение микробиомного теста предполагает сложный процесс – от сбора биологических образцов до секвенирования генома микроорганизмов и компьютерного анализа и до выдачи интерпретируемого заключения. Поэтому в состав поставщиков услуг микробиомного тестирования должны входить специалисты с мультидисциплинарными компетенциями
3	100%	Любое изменение тактики ведения пациента на основании микробиомного теста должно осуществляться только направившими его врачами или иными медицинскими работниками
4	100%	Лаборатории, выполняющие микробиомное тестирование, должны гарантировать высокие стандарты качества и защиту персональных данных пациента, а также быть аккредитованными, зарегистрированными и находиться под регуляторным контролем
5	96%	Для проведения микробиомного тестирования необходимы валидированные и актуальные вычислительные программные конвейеры и базы данных, предназначенные для определения таксономии микроорганизмов
Рабочая группа 2: процедурные этапы до тестирования		
6	80,4%	Поскольку доказательств применимости тестирования кишечного микробиома в клинической практике недостаточно, самостоятельное обращение пациентов за микробиомным тестированием без клинических показаний не рекомендуется
7	87%	До проведения теста следует собрать ключевые клинические данные пациента, в том числе те, которые могут влиять на характеристики кишечного микробиома. Как минимум необходимо зафиксировать возраст, пол, индекс массы тела, особенности питания, статус курения и употребления алкоголя, время кишечного транзита, сопутствующие заболевания и принимаемые препараты, а также анамнез
8	100%	Пациенты не должны прекращать проводимую терапию или менять привычный рацион перед тестированием, если это не рекомендовано направившим врачом
9	98%	Сбор образцов кала должен исключать любое загрязнение из окружающей среды и обеспечивать сохранность генетического материала
10	97,5%	Собранные образцы следует доставлять в лаборатории, отвечающие требованиям к секвенированию микробиома, в рекомендованные сроки и при соблюдении условий, указанных в инструкциях к наборам для сбора. После поступления образцы должны храниться при -80 °C до дальнейшей обработки
11	97,5%	Анализ микробиома из биологических образцов, отличных от кала, включая вагинальные, кожные и оральные мазки, слюну и грудное молоко, должен выполняться в соответствии с имеющимися научными данными и клиническими показаниями
Рабочая группа 3: анализ микробиома		
12	98%	К надлежащим методам профилирования микробного сообщества кишечника относятся ампликонное секвенирование и полногеномное секвенирование
13	90%	Мультиплексная ПЦР и бактериологические посевы, хотя и могут быть полезны, не могут считаться микробиомным тестированием и не могут быть использованы в качестве замены профилирования микробиома
14	100%	Предварительная обработка «сырых» данных секвенирования должна быть подробно описана до проведения анализа
15	92%	Анализ микробиома должен включать показатели альфа-разнообразия, в том числе видовое богатство и выравненность
16	92%	В анализ микробиома должны быть включены показатели бета-разнообразия
17	98%	Полное таксономическое профилирование микробных сообществ кишечника является обязательным компонентом микробиомного тестирования
18	88%	Для облегчения интерпретации таксономического профиля и профиля разнообразия пациента в микробиомное тестирование следует включать корректное сравнение с сопоставимой группой здорового контроля
19	80%	Продольная (динамическая) оценка микробиома пациента в разные моменты времени может быть полезна в отдельных клинических ситуациях
20	90%	Метаболомный анализ биологических жидкостей не рекомендуется в клинической практике. Оценка «метаболического потенциала» микробиома пациента на основе его таксономического профиля не рекомендуется
Рабочая группа 4: характеристики заключений		
21	94%	Данные анамнеза пациента должны быть отражены в итоговом заключении
22	94%	В заключении следует кратко описать протокол теста, включая методы сбора и хранения кала, экстракции ДНК, амплификации, секвенирования и постсеквенированного анализа
23	90%	Показатели альфа- и бета-разнообразия, оцененные на этапе тестирования, должны быть включены в итоговое заключение
24	96%	Состав микробиома следует описывать с максимально возможным таксономическим разрешением
25	80,5%	В заключение следует включать все таксоны, значимо отклоняющиеся от показателей сопоставимого здорового контроля, а также известные микробные патогены. Указание отдельных значимых для здоровья таксонов и кластеров, независимо от их обилия, может представлять интерес, несмотря на скудость данных о причинно-следственной связи с заболеваниями человека
26	86%	Указание соотношения *Firmicutes/Bacteroidetes* в микробиомном тестировании не рекомендуется
27	90%	Данных для включения какого-либо индекса дисбиоза в заключение микробиомного теста недостаточно, однако такие показатели заслуживают дальнейшего изучения
28	90%	В целом информации недостаточно, чтобы приводить строгие референсные диапазоны относительного обилия видов у здоровых лиц
29	92%	Для удобства интерпретации заключения рекомендуется использовать наглядную инфографику (например, столбчатые диаграммы или «ящики с усами», отображающие относительное обилие ключевых таксонов). При этом простых ординаций таксонов следует избегать
30	98%	Экспертная группа не рекомендует включать какие-либо терапевтические рекомендации по результатам теста со стороны поставщика услуг микробиомного тестирования
31	87,8%	«Сырые» данные могут быть предоставлены пациенту по запросу (например, для получения второго мнения) в виде ампликонных или метагеномных прочтений (в зависимости от метода секвенирования)
Рабочая группа 5: значение микробиомного тестирования в клинической практике – настоящее и будущее		
32	90%	Недостаточно данных, чтобы широко рекомендовать рутинное использование микробиомного тестирования в клинической практике. Такое применение должно быть подкреплено специально спланированными исследованиями
33	92%	Качественные или количественные данные, извлекаемые из микробиомных заключений, могут быть полезны в ведении ряда заболеваний, однако доказательств для их применения в клинической практике пока недостаточно
34	94%	Необходимы исследования, направленные на оценку значимости микробиомного профилирования при различных заболеваниях, чтобы обеспечить внедрение тестирования в клиническую практику
35	96%	Для содействия внедрению и распространению микробиомного тестирования в клиническую практику рекомендуется раскрывать его потенциальные преимущества и ограничения, а также проводить обучение основам микробиомной науки и интерпретации микробиомных заключений

Классические микробиологические посевы или молекулярные методы (например, мультиплексная ПЦР) чрезвычайно полезны в ряде клинических ситуаций, главным образом при выявлении конкретных патогенов, однако не подходят для оценки состава микробных сообществ. Рабочая группа также рассмотрела виды анализа, выполняемого после секвенирования генома. Было согласовано, что анализ микробиома должен включать показатели альфа-разнообразия (положение 15), и бета-разнообразия (положение 16). Альфа-разнообразие – экологический показатель сложности и разнообразия экосистемы, который может ассоциироваться с клиническим ответом, и его всегда следует рассчитывать в рамках тестирования. Бета-разнообразие – экологический показатель сходства состава двух микробных сообществ, который следует рассчитывать при сравнении продольных или множественных образцов из разных участков либо при сопоставлении с иными нормальными или патологическими результатами. Для определения четкой роли показателей альфа- и бета-разнообразия в клинической практике необходимы дополнительные данные.

Кроме того, эксперты рабочей группы согласились, что полное таксономическое профилирование микробных сообществ кишечника является обязательным компонентом микробиомного тестирования (положение 17). Таксоны должны определяться на максимально возможных уровнях – от типа (phylum) до рода или вида для ампликонного секвенирования и до вида или штамма для полногеномного, с оценкой их относительного вклада во все сообщество.

Эксперты рабочей группы уточнили, что для облегчения интерпретации таксономического профиля и профиля разнообразия пациента в микробиомное тестирование следует включать корректное сравнение с сопоставимой группой здорового контроля (положение 18), и согласились с тем, что метаболомный анализ биологических жидкостей в настоящее время не рекомендуется в клинической практике, как и оценка «метаболического потенциала» микробиома пациента на основе его таксономического профиля (положение 20). Метаболомика – весьма ценный инструмент для понимания взаимодействий «хозяин – микробиом», однако доказательств ее эффективного использования в клинической практике на сегодняшний день недостаточно.

Эксперты рабочей группы 4, которые определяли, что следует включать в микробиомные заключения (и исключать из них), согласились с тем, что данные анамнеза пациента должны быть отражены в итоговом заключении (положение 21) и что в нем также следует кратко описать протокол теста, включая методы сбора и хранения кала, экстракции ДНК, амплификации, секвенирования и постсеквенированного анализа (положение 22).

Эксперты рабочей группы 5 рассмотрели текущее значение микробиомного тестирования в клинической практике и будущие стратегии, необходимые для формирования доказательной базы его применения и расширения использования в пределах научно обоснованных границ. Было отмечено, что в настоящее время недостаточно данных, чтобы широко рекомендовать рутинное использование микробиомного тестирования в клинической практике, и такое применение должно подкрепляться специально спланированными исследованиями (положение 32).

Ключевая роль кишечного микробиома во влиянии на здоровье и болезни человека подтверждается растущим массивом данных и все шире признается в научном сообществе. Более того, ряд модуляторов кишечного микробиома широко применяется в клинической практике. Рифаксимин рекомендован для лечения печеночной энцефалопатии и СРК без запора. Международные руководства рекомендуют пробиотики при инфекционной или антибиотик-ассоциированной диарее в качестве вспомогательных средств в схемах эрадикации *Helicobacter pylori*, при ведении язвенного колита и при других заболеваниях, в том числе и функциональных. Эти терапевтические подходы были рекомендованы для соответствующих заболеваний после того, как доказали свою клиническую эффективность. Эксперты также заявили, что качественные или количественные данные, извлекаемые из микробиомных заключений, могут быть полезны в клинической практике, хотя доказательств для их применения пока недостаточно (положение 33). Наконец, эксперты согласились, что необходимы исследования, направленные на оценку значимости микробиомного профилирования при различных заболеваниях, для обеспечения внедрения тестирования в клиническую практику (положение 34), и что для содействия внедрению и распространению микробиомного тестирования рекомендуется раскрывать его потенциальные преимущества и ограничения, а также проводить обучение основам микробиомной науки и интерпретации микробиомных заключений (положение 35). Для получения прямых доказательств потенциальной пользы микробиомной диагностики в клинической практике необходимы крупные наблюдательные исследования, предпочтительно соответствующие рекомендациям STARD (Standards for Reporting of Diagnostic Accuracy) для исследований точности диагностических тестов (например, чтобы подтвердить, может ли микробиомный тест быть надежным инструментом для ранней диагностики заболеваний или достоверного прогнозирования ответа на терапевтические вмешательства путем выявления четких воспроизводимых сигнатур). Кроме того, необходимы интервенционные исследования, предпочтительно с рандомизированным дизайном, для сравнения эффективности целенаправленной модуляции микробиома (по результатам микробиомного теста) со стандартными унифицированными подходами с использованием пробиотиков или иных модуляторов микробиома. Обучение и просвещение медицинского сообщества – еще одна важнейшая веха для внедрения микробиомного тестирования в клиническую практику.

В заключение заседания авторы консенсуса акцентировали внимание на том, что все большее число коммерческих компаний предлагает потребителям микробиомные диагностические тесты напрямую, без какого-либо согласия в отношении их регулирования и без доказан-

ной ценности в клинической практике, что может приводить к значительному расходованию индивидуальных ресурсов и ресурсов системы здравоохранения, а также к неблагоприятным последствиям для пациентов. Традиционные микробные культуры или молекулярные методы (например, мультиплексная ПЦР) чрезвычайно полезны в нескольких клинических контекстах, главным образом для идентификации специфических патогенов, но они не подходят для оценки состава микробных сообществ и, следовательно, не могут рассматриваться ни как тестирование микробиома, ни как средство для профилирования микробиома. К сожалению, врачи зачастую назначают пациентам анализ Колонофлор с последующим получением ложных выводов из-за низкой чувствительности мультиплексной ПЦР. Вследствие конкуренции за ферменты (ДНК-полимеразу) и нуклеотиды реакция на один микроорганизм может подавлять реакцию на другой. Мультиплексная ПЦР для разных семейств и классов микроорганизмов имеет разную чувствительность по причине разного строения клеточной стенки микроорганизмов и влияния на экстрактивность генетического материала [4]. Прочность клеточной стенки бифидо- и лактобактерий очень сильно варьирует от штамма к штамму [5], при этом лактобактерии обладают очень ригидной клеточной стенкой [6], а значит, их ДНК/РНК плохо выделяется. Вероятно, в силу перечисленных причин с помощью мультиплексной ПЦР часто обнаруживается снижение лактобактерий при СРК, хотя это и противоречит данным, полученным методом секвенирования.

Согласно современным представлениям, СРК классифицируется как расстройство взаимодействия по оси «кишечник – мозг» и характеризуется наличием рецидивирующих болей и/или дискомфорта в животе, связанных с изменениями в работе кишечника. Обновленные диагностические критерии Рима V, опубликованные в апреле 2026 г., определяют, что боль и/или дискомфорт в животе должны возникать не менее трех дней в месяц в течение последних трех месяцев и быть ассоциированы с изменением частоты и/или формы стула [7].

Данные, полученные в последние годы с помощью высокоинформативных методов секвенирования, позволили сделать вывод, что неотъемлемым звеном, опосредующим взаимодействие между кишечником и мозгом, является кишечная микробиота, а нарушение ее состава и/или метаболической активности ассоциировано с СРК [8]. Установлено, что характерной особенностью микробиоты при СРК является снижение микробного разнообразия и изменение относительной численности определенных таксонов бактерий [9]. Метаанализ 16 исследований с участием 777 пациентов с СРК и 461 контрольного лица показал, что для пациентов с СРК характерно увеличение соотношения *Firmicutes*/*Bacteroidetes,* которое считается важным показателем «здорового баланса» кишечной микробиоты [10]. На более низких таксономических уровнях наблюдалось увеличение количества *Clostridium* и *Clostridiales* при уменьшении *Bacteroides* и *Bacteroidales* [11]. Сокращение представительства *Bacteroidetes* может привести к снижению противовоспалительной активности, в то время как чрезмерный рост *Firmicutes*, напротив, связан с развитием воспаления в слизистой оболочке кишечника и усугублением симптомов СРК.

Метаанализ 24 исследований, проведенных с 2011 по 2018 г., продемонстрировал наличие специфических микробных сигнатур при СРК в виде увеличения количества бактерий семейства *Enterobacteriaceae* (тип *Proteobacteria*), семейства *Lactobacillaceae* и рода *Bacteroides* на фоне снижения родов *Faecalibacterium* (включая *Faecalibacterium prausnitzii*) и *Bifidobacterium* [12]. Исследование W. Zhong и соавт. показало, что у пациентов с СРК количество *Bifidobacteria* значительно сокращается не только в составе полостного содержимого, но и в образцах, полученных при биопсии слизистой оболочки толстой кишки [13]. В опубликованном недавно критическом обзоре также подчеркивается, что изменения кишечной микробиоты при СРК характеризуются уменьшением количества облигатных анаэробов *Bacteroidetes*, *Bifidobacteria* и *Faecalibacterium* при одновременном расширении представительства факультативных анаэробов *Firmicutes,* включая *Lactobacillus* [14]. В исследовании 2024 г., охватывающем в общей сложности 9204 образца, впервые была выявлена воспроизводимая в разных географических регионах микробная сигнатура СРК. Анализ позволил выделить два ключевых кластера: первый, с преобладанием облигатных анаэробов *Faecalitalea, Fusicatenibacter* и *Ruminococcus*, и второй, с высокой концентрацией факультативных анаэробов, представителей оральной микробиоты, таких как *Streptococcus* [15].

В ряде работ отмечено, что отличительной особенностью кишечной микробиоты для всех пациентов с СРК независимо от подтипа и степени тяжести заболевания является снижение количества бактерий рода *Bifidobacterium* [12, 14, 16]. Род *Bifidobacterium* относится к типу *Actinobacteria* и включает в себя около 80 видов [17]. *Bifidobacterium* spp. – грамположительные, неподвижные, неспорообразующие анаэробные бациллы, они первые колонизируют пищеварительный тракт человека, что обусловлено бифидогенной активностью олигосахаридов материнского молока. В кишечнике младенцев, находящихся на грудном вскармливании, на долю *Bifidobacterium* приходится от 40 до 80% микроорганизмов [18]. С возрастом общее содержание *Bifidobacterium* снижается, но остается относительно стабильным (2–14%) на протяжении всей взрослой жизни и снова снижается в пожилом возрасте [19]. Наиболее часто выявляемые виды в кишечнике взрослого человека включают *B. adolescentis* и *B. catenulatum*, за которыми следуют *B. longum* и *B. bifidum* [20]. Представители рода *Bifidobacterium* – основные продуценты короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК), таких как ацетат, пропионат и бутират. Образующиеся в результате анаэробной ферментации углеводов КЦЖК служат ключевым источником энергии эпителиальных клеток толстой кишки. При дефиците бутирата происходит переключение физиологического процесса получения энергии колоноцитами β-окисления жирных кислот на гликолиз, для которого не требуется кисло-

род, в результате чего последний накапливается в просвете кишки и в условиях повышенной эпителиальной проницаемости диффундирует обратно в слизистую оболочку, что способствует дальнейшему прогрессированию дисбиотических нарушений в виде сокращения количества облигатных анаэробов [14]. КЦЖК являются также важными сигнальными молекулами, модулирующими иммунитет организма хозяина. В частности, бутират выступает мощным ингибитором гистондеацетилазы, вызывая эпигенетическую экспрессию воспалительных генов. Кроме того, связываясь с рецепторами G-белков на поверхности эпителиальных и иммунных клеток, стимулирует дифференцировку регуляторных Т-клеток и поддержание иммунной толерантности слизистой оболочки кишечника [21]. Бутират также индуцирует экспрессию белков плотных контактов, снижая кишечную проницаемость и предотвращая колонизацию патогенных микроорганизмов [22].

С учетом важной роли кишечной микробиоты в патогенезе СРК в качестве одной из стратегий ведения пациентов для повышения эффективности проводимой терапии предложены подходы, основанные на методах модуляции микробиоты, в том числе с помощью применения пробиотиков. В настоящее время среди различных пробиотических штаммов, имеющих доказанный благоприятный эффект для здоровья человека и признанный статус «безопасных», наиболее изученными и используемыми в клинической практике представляются *Bifidobacterium* spp. Доказанные действия *Bifidobacterium* многочисленны и включают в себя следующие: поддержание здоровой микробиоты; защита от патогенов; укрепление эпителиального кишечного барьера; модуляция иммунного ответа хозяина; синтез полифенолов, антиоксидантов, нейромедиаторов, витаминов, бактериоцинов и КЦЖК; переваривание растительных олиго- и полисахаридов; подавление производства потенциально токсичных и канцерогенных метаболитов. Добавление *Bifidobacterium* в качестве пробиотиков может восстанавливать функцию эпителиального барьера путем индукции экспрессии белков плотных контактов и увеличения секреции муцинов слизи [17]. Так, в недавнем двойном слепом рандомизированном контролируемом исследовании применение пробиотиков, в том числе *Bifidobacterium*, начиная с восьмой недели лечения способствовало уменьшению тяжести симптомов при всех подтипах СРК, что сопровождалось значительным повышением уровней ацетата, пропионата и бутирата [23]. Повышение уровня КЦЖК положительно коррелировало со снижением кишечной проницаемости, повышением экспрессии окклюдина, клаудина 1 и зонулина, а также со снижением воспалительных маркеров. Вместе с тем нарушение целостности кишечного барьера, или «синдром повышенной эпителиальной проницаемости», вызванный микробным дисбиозом и снижением выработки КЦЖК, является одним из центральных механизмов активации иммунной системы и поддержания воспаления низкой степени активности в слизистой оболочке толстой кишки при СРК и, как следствие, персистенции симптомов и рецидивирования заболевания.

Важно еще раз подчеркнуть, что свойства пробиотиков специфичны и зависят от конкретного штамма, поэтому в лечении различных заболеваний, в том числе при СРК, применяют только те культуры, которые продемонстрировали высокую эффективность и безопасность в ходе рандомизированных клинических исследований. С этой точки зрения особый интерес представляет запатентованный штамм *Bifidobacterium longum 35624*® (ранее *Bifidobacterium infantis*). В целом ряде работ продемонстрировано значительное уменьшение выраженности симптомов СРК, снижение степени тяжести и частоты рецидивов заболевания, а также улучшение показателей качества жизни пациентов по сравнению с исходным уровнем на фоне приема *Bifidobacterium longum 35624*® [24–27]. При этом убедительно показано, что дополнительное преимущество в терапии пациентов с СРК в виде более эффективного уменьшения выраженности симптомов и снижения частоты рецидивов заболевания может быть получено при увеличении продолжительности приема *Bifidobacterium longum 35624*® до 12 недель [28, 29]. Данный факт подтвержден результатами систематического обзора пяти исследований, проведенных во Франции (n = 2), Ирландии (n = 1), Великобритании (n = 1) и России (n = 1) с участием 796 пациентов с СРК [30]. Кроме того, пролонгированный курс назначения *Bifidobacterium longum* 35624® ассоциирован с наличием «постпробиотического эффекта», который заключается в сохранении или продолжающемся улучшении клинических проявлений СРК и показателей качества жизни пациентов после завершения лечебного воздействия [31].

С учетом полученных доказательств натуральный бактериальный штамм *Bifidobacterium longum 35624*® был внесен в соответствующие рекомендации национальных и международных профильных сообществ как пробиотик выбора в лечении пациентов с СРК с высоким уровнем убедительности и достоверности доказательств [1, 32–34].

Заключение

Микробиом кишечника представляет собой сложную экосистему, играющую ключевую роль в поддержании гомеостаза организма человека и патогенезе различных заболеваний. Современные высокоинформативные методы оценки кишечной микробиоты, прежде всего ампликонного и полногеномного секвенирования, открыли новые возможности для изучения микробных сообществ. Однако для их широкого внедрения в клиническую практику необходимы строгая стандартизация, наличие доказательной базы в отношении клинической ценности, а также параллельное распространение соответствующих образовательных программ среди медицинских работников и поставщиков медицинских услуг. Положения опубликованного в 2025 г. международного консенсуса по стандартизации передовых методов тестирования микробиома для клинического применения подчеркивают необходимость взвешенного подхода к проведению тестирования и интерпретации результатов с акцентом на ограничение методов, не являющихся истинным профилированием микро-

биома, таких как культуральный или мультиплексная ПЦР. При этом эксперты отмечают, что в настоящее время нет прямых доказательств того, что стандартизация процедур микробиомного тестирования и широкое их внедрение в рутинную практику улучшают ведение пациентов. Поэтому актуальными представляются дальнейшие консолидация данных и укрепление доказательной базы для того, чтобы тестирование микробиома перешло от неспецифических тестов (например, генетических тестов риска для здоровья), предлагаемых непосредственно потребителям, к ценным диагностическим инструментам для принятия клинических решений на основе выявления специфических микробных сигнатур. В частности, результаты проведенных исследований подтверждают, что модуляция кишечной микробиоты играет важную роль в патогенезе СРК, а применение таргетной пробиотической терапии, например штаммом *Bifidobacterium longum* 35624®, позволяет повысить эффективность проводимого лечения. Таким образом, будущие исследования, направленные на оценку прогностической и диагностической ценности микробиомного профилирования, а также образовательные инициативы для медицинского сообщества могут стать основой для внедрения персонализированных подходов к коррекции кишечной микробиоты при различных заболеваниях.

Литература

1. Ивашкин В.Т., Горелов А.В., Абдулганиева Д.И. и др. Методические рекомендации Научного сообщества по содействию клиническому изучению микробиома человека (НСОИМ) и Российской гастроэнтерологической ассоциации (РГА) по применению пробиотиков, пребиотиков, синбиотиков, метабиотиков и обогащенных ими функциональных пищевых продуктов для лечения и профилактики заболеваний гастроэнтерологического профиля у взрослых и детей. Российский журнал гастроэнтерологии, гепатологии, колопроктологии. 2024; 34 (4): 113–136.
2. Огай М., Фоминых Ю.А., Наджафова К.Н. Преимущества и недостатки различных методов диагностики нарушений микробиоты кишечника. Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология. 2025; 2: 179–186.
3. Porcari S., Mullish B.H., Asnicar F., et al. International consensus statement on microbiome testing in clinical practice. Lancet Gastroenterol. Hepatol. 2025; 10 (2): 154–167.
4. Gosiewski T., Jurkiewicz-Badacz D., Sroka A., et al. A novel, nested, multiplex, real-time PCR for detection of bacteria and fungi in blood. BMC Microbiol. 2014; 14: 144.
5. Mokrozub V.V., Lazarenko L.M., Sichel L.M., et al. The role of beneficial bacteria wall elasticity in regulating innate immune response. EPMA J. 2015; 6 (1): 13.
6. Shida K., Kiyoshima-Shibata J., Nagaoka M., et al. Induction of interleukin-12 by Lactobacillus strains having a rigid cell wall resistant to intracellular digestion. J. Dairy Sci. 2006; 89 (9): 3306–3317.
7. Corsetti M., Shin A., Lacy B.E., et al. Bowel Disorders. Gastroenterology. 2026; 170 (6): 1261–1282.
8. Chen Y., Feng S., Li Y., et al. Gut microbiota and intestinal immunity – A crosstalk in irritable bowel syndrome. Immunology. 2024; 172 (1): 1–20.
9. Mazzawi T., Hausken T., Hov J.R., et al. Clinical response to fecal microbiota transplantation in patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome is associated with normalization of fecal microbiota composition and short-chain fatty acid levels. Scand. J. Gastroenterol. 2019; 54 (6): 690–699.
10. Magne F., Gotteland M., Gauthier L., et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio: a relevant marker of gut dysbiosis in obese patients? Nutrients. 2020; 12 (5): 1474.
11. Duan R., Zhu S., Wang B., Duan L. Alterations of gut microbiota in patients with irritable bowel syndrome based on 16S rRNA-targeted sequencing: a systematic review. Clin. Transl. Gastroenterol. 2019; 10 (2): e00012.
12. Pittayanon R., Lau J.T., Yuan Y., et al. Gut microbiota in patients with irritable bowel syndrome – A systematic review. Gastroenterology. 2019; 157 (1): 97–108.
13. Zhong W., Lu X., Shi H., et al. Distinct microbial populations exist in the mucosa-associated microbiota of diarrhea predominant irritable bowel syndrome and ulcerative colitis. J. Clin. Gastroenterol. 2019; 53 (9): 660–672.
14. Andoh A., Miwa H. Association between the gut microbiota and the pathophysiology of irritable bowel syndrome: a narrative review. Digestion. 2026; 5: 1–10.
15. Li J., Ghosh T.S., Arendt E., et al. Cross-cohort gut microbiome signatures of irritable bowel syndrome presentation and treatment. Adv. Sci. (Weinh.). 2024; 11 (41): e2308313.
16. Гаус О.В., Ливзан М.А. Модуляция микробиоты кишечника как ведущий фактор патогенеза формирования фенотипов синдрома раздраженного кишечника. РМЖ. 2023; 5: 12–19.
17. Abdulqadir R., Engers J., Al-Sadi R. Role of Bifidobacterium in modulating the intestinal epithelial tight junction barrier: current knowledge and perspectives. Curr. Dev. Nutr. 2023; 7 (12): 102026.
18. Lin C., Lin Y., Zhang H., et al. Intestinal 'Infant-Type' Bifidobacteria mediate immune system development in the first 1000 days of life. Nutrients. 2022; 14 (7): 1498.
19. Odamaki T., Kato K., Sugahara H., et al. Age-related changes in gut microbiota composition from newborn to centenarian: a cross-sectional study. BMC Microbiol. 2016; 16: 90.
20. Чаплин А.В., Бржозовский А.Г., Парфёнова Т.В. и др. Изучение видового разнообразия бактерий рода Bifidobacterium кишечной микрофлоры с использованием метода MALDI-TOF масс-спектрометрии. Вестник Российской академии медицинских наук. 2015; 70 (4): 435–440.

Симбиозис Альфа — проверенный эффект, НОВОЕ ИМЯ





Содержит таргетный штамм ***Bifidobacterium longum* 35624®** **для облегчения проявлений раздраженного кишечника** (абдоминальная боль, нарушение стула, вздутие)[1, 2, 3]

Единственный пробиотик с уровнем доказательности А1, вошедший в рекомендации НСОИМ и РГА для ведения пациентов с СРК[4]

Включен в клинические рекомендации МЗ «Синдром раздраженного кишечника»[5]

Один из самых изученных штаммов в мире — более 50 публикаций

1 капсула в день и 1 упаковка на курс[3] (не менее 1 месяца, возможно увеличение продолжительности курса)

1.Williams N. T. Probiotics // Am. J. Health Syst. Pharm. — 2010. — № 67 (6). — P. 449–458. 2. Среди пробиотиков, рекомендованных при СРК, уровень доказательности — 2. World Gastroenterology Organisation* Global Guidelines: Probiotics and Prebiotics Jul. 2024. * WGO — Всемирная организация гастроэнтерологов. 3. Инструкция (дополнительная информация для потребителей) «Симбиозис Альфа». 4. Ивашкин В. Т. и др. // Российский журнал гастроэнтерологии, гепатологии, колопроктологии. — 2024. — № 34 (4). — С. 113–136. — URL: https://doi.org/10.22416/1382-4376-2024-117-312. 5. Синдром раздраженного кишечника: клинические рекомендации. — 2024. — 64 с. — URL: https://cr.minzdrav.gov.ru/view-cr/892_1.

ООО «БИОКОДЕКС», 127051, г. Москва, Цветной б-р, 2. **Тел.:** +7 (495) 783-26-80. **E-mail:** phv@biocodex-corp.ru.
biocodex.ru АМ.01.48.01.003.R.000264.10.24

ПМ-RX-2025-06-088

БАД. НЕ ЯВЛЯЕТСЯ ЛЕКАРСТВЕННЫМ СРЕДСТВОМ

реклама

21. Almonajjed M.B., Wardeh M., Atlagh A., et al. Impact of microbiota on irritable bowel syndrome pathogenesis and management: a narrative review. Medicina (Kaunas). 2025; 61 (1): 109.
22. García Mansilla M.J., Rodríguez Sojo M.J., Lista A.R., et al. Exploring gut microbiota imbalance in irritable bowel syndrome: potential therapeutic effects of probiotics and their metabolites. Nutrients. 2024; 17 (1): 155.
23. Li E., Wang J., Guo B., Zhang W. Effects of short-chain fatty acid-producing probiotic metabolites on symptom relief and intestinal barrier function in patients with irritable bowel syndrome: a double-blind, randomized controlled trial. Front. Cell. Infect. Microbiol. 2025; 15: 1616066.
24. Whorwell P.J., Altringer L., Morel J., et al. Efficacy of an encapsulated probiotic Bifidobacterium infantis 35624 in women with irritable bowel syndrome. Am. J. Gastroenterol. 2006; 101 (7): 1581–1590.
25. O'Mahony L., McCarthy J., Kelly P., et al. Lactobacillus and Bifidobacterium in irritable bowel syndrome: symptom responses and relationship to cytokine profiles. Gastroenterology. 2005; 128 (3): 541–551.
26. Sabaté J.M., Iglicki F. Effect of Bifidobacterium longum 35624 on disease severity and quality of life in patients with irritable bowel syndrome. World J. Gastroenterol. 2022; 28 (7): 732–744.
27. Гаус О.В., Ливзан М.А. Фенотипы синдрома раздраженного кишечника и стратегии пациентоориентированной курации больного. Лечащий врач. 2023; 7–8 (26): 36–44.
28. Vasant D.H., Paine P.A., Black C.J., et al. British Society of Gastroenterology guidelines on the management of irritable bowel syndrome. Gut. 2021; 70 (7): 1214–1240.
29. Ивашкин В.Т., Полуэктова Е.А., Мамиева З.А. Результаты многоцентровой наблюдательной программы по изучению влияния Bifidobacterium longum longum 35624® на симптомы и качество жизни пациентов с синдромом раздраженного кишечника (SAGA). Российский журнал гастроэнтерологии, гепатологии, колопроктологии. 2024; 34 (5): 47–58.
30. Andreev D.N., Bordin D.S., Maev I.V., Cheremushkin S.V. Effectiveness of Bifidobacterium longum 35624 in the treatment of patients with irritable bowel syndrome: a systematic review. Microb. Health Dis. 2024; 6: e998.
31. Соловьева О.И., Некрасова А.С., Топалова Ю.Г. и др. Пролонгированное назначение пробиотиков при синдроме раздраженного кишечника: осознанная необходимость. Терапевтический архив. 2023; 95 (8): 679–685.
32. Barbara G., Cremon C., Bellini M., et al. Italian guidelines for the management of irritable bowel syndrome: Joint Consensus from the Italian Societies of: Gastroenterology and Endoscopy (SIGE), Neurogastroenterology and Motility (SINGEM), Hospital Gastroenterologists and Endoscopists (AIGO), Digestive Endoscopy (SIED), General Medicine (SIMG), Gastroenterology, Hepatology and Pediatric Nutrition (SIGENP) and Pediatrics (SIP). Dig. Liver Dis. 2023; 55 (2): 187–207.
33. Клинические рекомендации Минздрава России. Синдром раздраженного кишечника. https://cr.minzdrav.gov.ru/preview-cr/892_1.
34. Hungin A.P., Mulligan C., Pot B., et al. Systematic review: probiotics in the management of lower gastrointestinal symptoms in clinical practice – an evidence-based international guide. Aliment. Pharmacol. Ther. 2013; 38 (8): 864–886.

The Gut Microbiome: What is Important While Running Diagnostic Tests

M.A. Livzan, PhD, Prof., Corresponding member of the RAS, O.V. Gaus, PhD, Prof.

Omsk State Medical University

Contact person: Olga V. Gaus, gaus_olga@bk.ru

The rapid accumulation of data on the gut microbiota modulation in various diseases, including pathologies of the digestive, cardiovascular, nervous, immune, and endocrine systems, has raised the interest to use microbiome as a potential diagnostic tool. However, currently there is no sufficient evidence base confirming the clinical effectiveness of routine microbiota testing. An increasing number of commercial suppliers are offering various diagnostic tests of microbiome directly to consumers without imposing any requirements for their standardization or proven value in the clinical practice, which, of course, can lead not only to a significant waste of financial resources but also to the choice of an irrational management of the patient. That is why, publication of the consensus document written by an international interdisciplinary expert group on the standardization of advanced microbiome testing methods for clinical application has become relevant and important. This article presents key provisions of the above-mentioned consensus, including recommendations on general principles and minimum requirements for their provision, indications, preliminary testing protocols, testing techniques, presentation of results, and potential clinical value. In addition, the authors took the irritable bowel syndrome as an example, with which they demonstrate the role of gut microbiota modulation in the development and persistence of disease symptoms. They also have analyzed literature data and presented a critical assessment of the most effective modalities of probiotic therapy, including the efficacy and safety of Bifidobacterium longum 35624® strain for treating patients.

***Keywords**: gut microbiome, metabolome, culture-based method, amplicon sequencing, whole-genome sequencing, chromatographic methods, irritable bowel syndrome, probiotics, Bifidobacterium longum 35624®*